

SEQ ID NO:29 (gi 3080420) 1
 SEQ ID NO:2 MSGAVLVAIAAAVGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNLESPNSVEGLIVAMSLIGATLIT 60
 SEQ ID NO:4 MGGAVMVAIAAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNLESPNSVEGLIVAMSLIGATLIT
 SEQ ID NO:6 MAGAVLVAIAAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFNLESPNSVEGLIVAMSLIGATVIT
 SEQ ID NO:8 MKGAVLVAIAAASIGNFLQGWDNATIAGANGYIKKDLALGTT--MERLVVGMSLIGATVIT
 SEQ ID NO:10
 SEQ ID NO:12 MSGAALVAIAAASIGNLLQGWDNATIAGAVLYIKKEFQLENNPTVEGLIVA--
 SEQ ID NO:14
 SEQ ID NO:16

61
 TCsggvadwlgrrpmlilssILYFVGSVLMWSPNVYVLLGRLLdggfvgvltlvpiy 120
 TSpgradcvgrrpmlvasAVLYFVSGLVMLWAPIVYILLARLLdggfvgvltlvply
 tcsgpiadwlgrrpmlilssvlyflggvmlwspnvylclarlldggfvgvltlvpy
 SEQ ID NO:2
 SEQ ID NO:4
 SEQ ID NO:6
 SEQ ID NO:8
 SEQ ID NO:10
 SEQ ID NO:12
 SEQ ID NO:14
 SEQ ID NO:16

121
 isetapp-eirGLLNTLPQFTG-SGGMFLSYCMVFGMSLMPSPSWRLMLGVLFIPSLVFF 180
 isetaphrxswGXXNTLPQFIGVXGGMFLSYCMVFGMSLMPKPDWRLMLGVLSIPSLXYF
 S---LI-----GAT-----I--
 isetaps-eirGSLNTLPQFSG-SGGMFLSYCMVFGMSLSPAPSWRLMLGVLSIPSLLYF
 SEQ ID NO:2
 SEQ ID NO:4
 SEQ ID NO:6
 SEQ ID NO:8
 SEQ ID NO:10
 SEQ ID NO:12
 SEQ ID NO:14
 SEQ ID NO:16

FIG. 1A

SEQ ID NO:29	(gi 3080420)	181	FLTVFFLPESPRWLVS	KRMLEAKRVLQRL	RGREDVSGEMALL	VEGLGIGGETTIEEYII	240
SEQ ID NO:2			GLTVFYLPESPRWLVS	KGRMAEAKRVXQRL	RGREDVSXEXALL	VEGLGVGKDTRIXEYII	
SEQ ID NO:4			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:6			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:8			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:10			ALTIFFLPESPRWLVS	KRMLEAKKVLQRL	RGREDVSGEMALL	VEGLGIGGDTSEIEYII	
SEQ ID NO:12			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:14			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:16			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:29	(gi 3080420)	241	GPADEVTDHDDIAVDKD	-QIKLYGAEGLSWV	ARPVKG	-----	300
SEQ ID NO:2			GPATEAADDLVTDGKE	-QITLYGPEEGQSWI	ARPSKGPIMLGS	VLSLASRHGS-MVNQS	
SEQ ID NO:4			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:6			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:8			GPADDVADGHEHATEKD	-KIRLYGSAQLSWLSK	PVTGQ	-----	
SEQ ID NO:10			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:12			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:14			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:16			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:29	(gi 3080420)	301	GSLIDPLVTLFGSVHEK	MPDTG	-----	SMRSALFPHFGSMF	SVGNGN--QPRHEDWD--EEN
SEQ ID NO:2			VPLMDPIVTLFGSVHEN	MPQAG	-----	GSMRSTLFPNFGSMF	SVTDQ--HAKNEQWD--EEN
SEQ ID NO:4			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:6			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:8			MPLMDPLVTLFGSIHEK	LPE	TGARGSMRSTLFPNFGSMF	STAE--PHAKIEQW	---EES
SEQ ID NO:10			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:12			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:14			-----	-----	-----	-----	
SEQ ID NO:16			-----	-----	-----	-----	

FIG. 1B

EPGV

```

541
SEQ ID NO:29 (gi 3080420)
SEQ ID NO:2
SEQ ID NO:4
SEQ ID NO:6
SEQ ID NO:8
SEQ ID NO:10
SEQ ID NO:12
SEQ ID NO:14
SEQ ID NO:16
KRALVVGVLQILQQFSGINGVLYYTPQILEQAGVGILLSNMGISSSSASILSALTTFV 600
RRALLVVGIGIQLQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVAVILSKFGLSSASILISSLTTL
-----VL-----
KHALVVGIGIQLQQFSGINGVLYYTPQILEEAGVEVLLSDIGIGSESASFISAFITFL
KHALIVGVMGMIQLQQFSGINGVLYYTPQILEQAGVGILLSSGLGSTSSFLISAVTTL
RRALFVGIGIQMLQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVAVLLSNLGLSSASILISSLTTL
KHALFVGIGIQLQQFAGINGVLYYTPQILEQAGVGILLSNLGLSSASILSALTTL
601
MLPAIAVAMRLMDLSGRRTLLLTIPILIASLLVLVLSNLMNSIVHAVLSTVSVVLYF 660
MLPCIGFAMLLMDLSGRRELLLTIPILIASLVILVSNLIDGLTAHALLSTISVIVYF
-----
MLPCIGVAMKLMDSGRRLTLTIPVLIVSLIILVIGSLVNEGVNAHAISTVCVVVYF
MLPCIAIAMRLMDISGRRTLLLTIPVLIAALLILVLSLVDLGSTANASISTISVIVYF
-----
MLPSIGVAMRLMDISGRRELLLTIPILIASLIVLVNVNINLSTVPHAVLSTVSVIVYF
MLPSIGIAMRLMDMSGRRELLLTIPVLIVLAVLVNVLDVGTMVHAALSTISVIVYF
661
CFFVMGFGPAPNILCSEIFPTRVRGICIAICALTFWICDIIVTYSLPVLKSLGLAGVFG 720
CCFVMGFGPIPNILCAEIFPTRVRGLCIAICALTFWIGDIIVTYSLPVMNLNAIGLAGVFS
-----
CFFVMGFGPIPNILCAEIFPTTVRGICIAICALTFWIGDIIVTYTLPVMNLNAIGLAGVFS
CCFVMGYGPIPNILCSEIFPTRVRGLCIAICALTFWIGDIIITYSLPVMLGSLGLGVFA
CFFVMGEGPIPNILCAEIFPTRVRGLCIAICALTFWICDIIVTYTLPVMNLNSVGLAGVFG
-----
CCFVMGFGPIPNILCAEIFPTRVRGVCAICALTFWICDIIVTYSLPVMNLNAIGLAGVFG
CFFVMGFGPIPNILCAEIFPTSVRGICIAICALTFWIGDIIVTYTLPVMNLNAIGLAGVFG

```

FIG. 1D

SEQ ID NO:29 (gi 3080420) 721
SEQ ID NO:2 MYAIVCCISWVFVIKVPETKGMPLLEVITEFFSVGARQAEAA--KNE 767
SEQ ID NO:4 IYAVVCLISEVFVLKVPETKGMPLLEVITEFFAVGAKQAAA--KA
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 IYAVVCILAELEFVEMKVPETKGMPLLEVITEFFSVGAKQ-AKE-----D
SEQ ID NO:10 IYAVVCFISWIFVLKVPETKGMPLLEVISEFFSVGAKQAASA--KNE
SEQ ID NO:12 IYAVVCFIAWVFVLKVPETKGMPLLEVIEFFSVGAKQFDDA--KHN
SEQ ID NO:14 -----
SEQ ID NO:16 IYAVVCCIAFVFVYLKVPETKGMPLLEVITEFFAVGAKQ-AQA--TIA
IYAVVCVLAFFVFMKVPETKGMPLLEVITEFFSVGAKQ-GKE--ATD

FIG. 1E

SEQ ID NO:30	1	MSEG-----TNKAMSDPPPTTASKVIA--DF-DPLKKPPKRN---KFAFACAT	60
SEQ ID NO:18		SR-----AQSEPSTMASA--PL--PAAIEPGKKGNVKKFAFACXI	
SEQ ID NO:20		M-----ASD--ELAK--AVEPRKKGNVKKYASICAI	
SEQ ID NO:22		MTEG-----MASA--AL--PEAVAPKKGNVRFAFACAI	
SEQ ID NO:24		-----KLVEAAEAH-----KTLQ--DF-DPPKKR-KRN---KYAFACAM	
SEQ ID NO:26		MKMS-----PERKGAEDKEEGSRMASA--ALPEGAVHPRNKGNFKYAFTCAL	
SEQ ID NO:28			
SEQ ID NO:30	61	LASMTSVLLGY-----DIGVMSGAIIVLKEDWHISDTQIGVLVG	120
SEQ ID NO:18		LASMTSILLGY-----DIGVMSGASLYIKKDLKISDVKLEILMG	
SEQ ID NO:20		LASMASVILGY-----DIGVMSGAAIYIKKDLNITDVQLEILIG	
SEQ ID NO:22		LASMTSILLGY-----DIGVMSGASLYIKKDFNISDGKVEVLMG	
SEQ ID NO:24		LASMTSILLGY-----DIGVMSGAAIYIKRDLKVSDEQIEILLG	
SEQ ID NO:26		LASMTSILLGY-----DIGVMSGASLYIQKDLKINDTQLEVIMG	
SEQ ID NO:28		CASMATIVLGY-----DVGVMMSGASLYIKRDLQITDVQLEIMMG	
SEQ ID NO:30	121	ILNIYCLFGSFAAGRTSDWIGRRYTIIVLAGAIFVVGALLMGFATNYAFMLVGRFVTGIGV	180
SEQ ID NO:18		ILNVYSLIGSXAAGRTSDWIGRRXTIVFAAVIFFAGAXLMGFVAVNYWMLMFGRFVAGIGV	
SEQ ID NO:20		ILSLYSLFGSFAGARTSDRIGRRLTIVFAAVIFFVGSLLMGFAVNYGMLMAGRFVAGVGV	
SEQ ID NO:22		ILNLVSLIGSFAAGRTSDWIGRRYTIIVFAAVIFFAGXFLMGFAVNYAMLFGRFVAGIGV	
SEQ ID NO:24		IINLYSLIGSCLAGRTSDWIGPRYTIIVFAGTIFVVGALLMGFSPNYSFLMFGRFVAGIGI	
SEQ ID NO:26		ILNVYSLIGSFAAGRTSDWIGRRFTIVFAAVIFFAGALIMGFSVNYAMLFGRFVAGIGV	
SEQ ID NO:28		ILSVYALIGSFLGARTSDWVGRRVTIVFAAAIFNNGSLMGFAVNYAMLVGRFVTGIGV	

FIG. 2A

SEQ ID NO:30	181	GYALMIAPVYTAEVSPASSRGFLTSTFPEVFINAGILLGYISNLAFFSSLPTHLSWREMLGI	240
SEQ ID NO:18		GYALMIATVYTAEVSPXSSARGFLTSTFPEVFI	
SEQ ID NO:20		GYGMIAPVYTAEISPAASRGFLTSTFPEVFINIGILLGYLSNFAFARLPLHLGWRVMLAI	
SEQ ID NO:22		GYALMIAPVYTAEVSPASARGFLTSTFPEVFINFGILLGYVSNYAFSRLPLNLGWRIMLGI	
SEQ ID NO:24		GYALMIAPVYTAEVSPASSRGFLTSTFPEVFINIGILLGYISNYAFSKLTCLKVGRMMMLGV	
SEQ ID NO:26		GYALMIAPVNTGEVSPASARGVLTSTFPEVFINFGILLGYVSNFAFARLSRLGWRIMLGI	
SEQ ID NO:28		GYAIMVAPVYTPVSPASARGFLTSTFTEVINVGILLGYVSNYAFARLPLHLGWRVMLGI	
		241	
SEQ ID NO:30		GAIPSIFLAIGVLAMPESPRWLVMQGRGLGDAKKVLNRISDSPEEAQLRLSEIKQTAGIPA	300
SEQ ID NO:18		-----	
SEQ ID NO:20		GAVPSGLLALLVFCMPESPRWLVLKGRGLADARAVLEKTSATPEEAERLADIKAAAGIPK	
SEQ ID NO:22		GAAPSVLLALMVLGMPESPRWLVMKGRGLADAKVVLEKTSDTAEAAERLADIKAAAGIPE	
SEQ ID NO:24		GAIPSVLLTVGVLAMPESPRWLVMRGRGLGEARKVNLKTSDSKEEAQLRLAEIKQAAAGIPE	
SEQ ID NO:26		GAVPSVLLAFMVLGMPESPRWLVMKGRGLADAKVVLAKTSDTPEEAERIADIKTAAGIPL	
SEQ ID NO:28		GAVPSALLALMVFMPESPRWLVMKGRGLADARAVLAKTSDTPEEAVERLDQIKAAAGIPR	
		301	
SEQ ID NO:30		ECDEDIYKVEKTIKSGNA-VWKELFFNPTPAVRRRAVIAGIGIHFFQQASGIDAVVLYSP	360
SEQ ID NO:18		-----	
SEQ ID NO:20		GLDGDVVTVPGKEQGGELQVWKKLILSPTPAVRRILLSAVGLHFFQQASGSDSVVQYSA	
SEQ ID NO:22		ELDGDVVTVPK-RGSGNEKRVWKELILSPTPAMRRILLSGIGIHFFQHALGIHVVVYFYP	
SEQ ID NO:24		SCNDDVVQVVKQS--NGEG-VWKELFLYPTPAIRHIVIAALGIHFFQQASGVDVAVLYSP	
SEQ ID NO:26		GLDGDVVVPKKNKGSSEKRVLKDILSPTIAMRHILIAIGIGIHFFQQSSGIDAVVLYSP	
SEQ ID NO:28		ELDGDVVVMP-KTKGGQEKQVWKELIFSPTPAMRRILLAAALGIHFFQQATGSDSVVLYSP	

FIG. 2B

SEQ ID NO:30	361	RIFQSAGITNARKQLLATVAVGVVKTFLFILVATFQLDKYGRRPRLLLTSVGGMIIAILTLA	420
SEQ ID NO:18		-----	
SEQ ID NO:20		RLFSAGITDDNKLGVTCVAVGVTKEFFILVATFLLDRAGRRPRLLLISTGGMIVSLICLC	
SEQ ID NO:22		LVFKSPGLTNDKHFLGTTWPFVGTKRLLFILLATFFIDGVGRRPRLLLGSTGGIILSLIGLG	
SEQ ID NO:24		RIFEKAGITNDTHKLLATVAVGVFVKTVFILAAATFLLDRVGRRRPRLLLSSVGGMVLSLLTLA	
SEQ ID NO:26		LVFKSAGITGDSRLRGTTVAVGATNTVFILVATFLLDRIRRRPRLVLTSTGGMIVSLVGLA	
SEQ ID NO:28		RVFQSAGITGDNHLLGATCAMGVMKTLFILVATFQLDVRGRRPRLLLTSTAGMLACLIGLG	
SEQ ID NO:30	421	-----	
SEQ ID NO:18		MSLTVID-HSHHKITWAIALCITMVCVVASFSGLGPITWVYSSEVFPLRLRAQGTSMG	480
SEQ ID NO:20		-----	
SEQ ID NO:22		SGLTVAGHHPDTKVAVAVALCIASTLSYIAFFSIGLGPITGVYTSEIFPLQVRALGFVAG	
SEQ ID NO:24		AGLTVVGQHPDAKIPWAIGLSIASTLAYVAFPSIGLGPITWVYSSEIFPLQVRALGCSLG	
SEQ ID NO:26		ISLTVID-HSERKLMWAVGSSIAMVLAYVATFSGAGPITWVYSSEIFPLRLRAQGAAG	
SEQ ID NO:28		TGLTVISRHPDEKITWAIVLCIFCIMAIVVAFPSIGLGPITWVYSSEIFPLHVRALGCSLG	
SEQ ID NO:30	481	TGLTVVGRHPDAKVPWAIGLCIVSILAYVFFSIGLGPLTSVYTSEVFPLRVRALGFALG	
SEQ ID NO:18		-----	
SEQ ID NO:20		VAVNRVVGVISIFFELPLSHKITTGGAFFLEGGIAIAWFFFLTFLPETRGRGTLENMHEL	540
SEQ ID NO:22		-----	
SEQ ID NO:24		VASNRVTSAVISMTFLSLSKAITIGGSFFLYSGIAAVAVVFFFTCLPETRGRGTLEEMGKL	
SEQ ID NO:26		VANRVTSGVISMTFLSLSKAITIGGSFFLYSGIAALAWVFFTYLTPETRGRGTLEEMSKL	
SEQ ID NO:28		VAVNRVTSVAVVSMFSLSLTRAITIGGAFFLYCGIATVGWIFFYTVLPETRGRGTLEDMEGS	
		TSCNRVTSAAVSMFSLSLSKAITIGGSFFLYAGIAAGWIFFFTFIPETRGLPLEEIGKL	

FIG. 2C

SEQ ID NO:30
SEQ ID NO:18
SEQ ID NO:20
SEQ ID NO:22
SEQ ID NO:24
SEQ ID NO:26
SEQ ID NO:28

541
FEDERWRESFPGNKSNNDENSTRKQSNQNDKSQVQLGETTTSTTVTNDNH

FGM-----PDTGMAEEAEDA-AAKEKVVELPSSK-----TS-----
FGD-----TAAASESEDEPAKEK---KKVEMAATN-----
FGTFRSKSN--ASKAVENENG-----QVAVQLG-----TNVQT
FGN-----TATHKQGAEEADDDAGEKKVEMAATN-----
FGM-----TDTAVEAQDTAT-KDKAKVGEM---N-----
590

FIG. 2D